

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Larissa Rodrigues Campos

**Modelo de Propagação de COVID-19 baseado
em Autômato Celular**

Uberlândia, Brasil

2023

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Larissa Rodrigues Campos

**Modelo de Propagação de COVID-19 baseado em
Autômato Celular**

Trabalho de conclusão de curso apresentado à Faculdade de Computação da Universidade Federal de Uberlândia, como parte dos requisitos exigidos para a obtenção título de Bacharel em Sistemas de Informação.

Orientador: Luiz Gustavo Almeida Martins

Universidade Federal de Uberlândia – UFU

Faculdade de Computação

Bacharelado em Sistemas de Informação

Uberlândia, Brasil

2023

Resumo

A modelagem dinâmica tem potencializado os estudos de sistemas epidemiológicos a fim de auxiliar no planejamento de medidas de prevenção e combate à doenças. Nesse contexto, os autômatos celulares têm sido uma alternativa para a modelagem e simulação de sistemas dinâmicos devido a capacidade de reproduzirem modelos complexos. Neste trabalho, desenvolveu-se um modelo baseado em autômato celular capaz de representar a dinâmica de propagação da COVID-19. O trabalho desenvolvido é baseado em um modelo encontrado na literatura que aplica autômatos celulares para investigar a dinâmica da propagação da COVID-19 e a influência do isolamento social na disseminação da doença. Resultados experimentais mostram que o modelo desenvolvido apresenta um comportamento semelhante ao modelo de referência na evolução temporal da doença.

Palavras-chave: Modelagem dinâmica; Autômatos Celulares; Evolução temporal; Modelo probabilístico; COVID-19; Isolamento social.

Lista de ilustrações

Figura 1 – Exemplos de reticulados com: (a) uma, (b) duas, e (c) três dimensões. (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).	13
Figura 2 – Distribuição das células de acordo com a forma geométrica utilizada: (a) quadrangular; (b) triangular; e (c) hexagonal (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).	13
Figura 3 – Estratégias de contorno mais usadas em autômatos celulares: (a) borda periódica; (b) borda reflexiva; e (c) borda fixa (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).	14
Figura 4 – Vizinhança de um AC com reticulado de uma dimensão conforme o raio R : (a) $R = 1$ e (b) $R = 2$ (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).	15
Figura 5 – Vizinhança de um AC com reticulado de dimensão bidimensional conforme o raio R (a) von Neumann com $R = 1$ (b) von Neumann com $R = 2$, (c) Moore com $R = 1$ e (d) Moore com $R = 2$ (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).	15
Figura 6 – Evolução de um Autômato Celular unidimensional elementar: (a) Regra de transição empregada na mudança dos estados; (b) configuração inicial do reticulado; e (c) evolução do AC. (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).	16
Figura 7 – Evolução do AC Jogo da Vida nos instantes de tempo (a) $t = 1$; (b) $t = 2$; (c) $t = 3$ (d) $t = 4$	17
Figura 8 – Representação dos estados das células no reticulado (S) - Suscetível; (E) - Infectado; (L) - Latente; (I) - Infecioso; (T) - Tratamento; (R) - Recuperado.	24
Figura 9 – Vizinhança de transmissão de raios 1, 2 e 3 e vizinhança de transição de raio 1.	25
Figura 10 – Representação da condição de borda adiabática onde os estados das células de contorno do reticulado são definidas com os estados das células adjacentes.	25
Figura 11 – Fluxograma do modelo de propagação da COVID-19.	27
Figura 12 – Trajetória de infectados e recuperados.	31
Figura 13 – Evolução temporal de infecções ativas com intervalos $r = 1$ e $r = 3$.	32
Figura 14 – Evolução temporal de infecções ativas com dimensões do reticulado $m = 100$, $m = 150$ e $m = 200$.	33
Figura 15 – Evolução temporal de indivíduos doentes com $\lambda l = 0$ e $\lambda l = 95$.	33

Figura 16 – Evolução temporal do autômato celular em função do fator de isolamento social de localidade $\lambda l = 0$ representados nos dias: (a) 20° dia;(b) 40° dia; (c) 60° dia; (d) 80° dia.	34
Figura 17 – Evolução temporal do autômato celular em função do fator de isolamento social de localidade $\lambda l = 0,85$ representados nos dias: (a) 20° dia;(b) 40° dia; (c) 60° dia; (d) 80° dia.	35

Lista de tabelas

Tabela 1 – Estados dos autômatos celulares e seus respectivos valores numéricos (Fonte (JITHESH, 2021)).	24
Tabela 2 – Parâmetros utilizados nos experimentos do modelo desenvolvido.	30

Lista de abreviaturas e siglas

AC	Autômato Celular
SIR	Suscetíveis Infectados Recuperados
SEIR	Suscetíveis Expostos Infectados Recuperados
SIRS	Suscetíveis Infectados Recuperados Suscetíveis

Sumário

1	INTRODUÇÃO	8
1.1	Motivação	10
1.2	Objetivos	10
1.3	Estrutura do Documento	11
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	12
2.1	Autômatos Celulares	12
2.1.1	Reticulado	13
2.1.2	Regras de Transição	14
2.2	Trabalhos correlatos	17
2.2.1	Modelagem Dinâmica	18
2.2.2	Modelo Macro-dinâmico Compartmental	20
2.2.3	Modelo Macro-dinâmico Metapopulacional	20
2.2.4	Modelo Micro-dinâmico	21
3	MODELO DE PROPAGAÇÃO DA COVID-19	23
3.1	Características do Autômato Celular para Simulação da COVID-19	23
3.2	Vizinhança de Transmissão e de Transição	24
3.3	Propagação da Doença em uma Vizinhança de Transmissão	25
4	RESULTADOS E EXPERIMENTOS	29
4.1	Metodologia	29
4.2	Validação da Dinâmica do Modelo	30
4.3	Análise da Influência do Raio da Vizinhança de Transmissão	31
4.4	Análise do Impacto do Tamanho do Reticulado	32
4.5	Análise da Influência do Isolamento Social	33
4.6	Evolução do Autômato Celular	34
5	CONCLUSÃO	36
	REFERÊNCIAS	37

1 Introdução

Ao longo da história, a humanidade vem passando por diversas transformações econômicas, sociais e demográficas que exerceram grandes impactos, trazendo mudanças nos padrões de morbimortalidade global (WALDMAN; SATO, 2016). Tais transformações trouxeram melhorias das condições habitacionais e novas tecnologias de saúde que possibilitaram o declínio de doenças infecciosas. Apesar de tais melhorias, nos últimos anos, houve um aumento nos casos de doenças infecciosas, tornando seu controle um grande desafio para os governos (WALDMAN; SATO, 2016). Diante desse cenário, os estudos relacionados a esse tipo de doença se tornaram imprescindíveis. Neste contexto, a epidemiologia vem ganhando grande destaque, pois é a área de estudo que busca compreender a evolução de uma doença em grupos populacionais e desenvolver medidas de prevenção e controle (GOMES, 2015).

No final do ano de 2019, na cidade chinesa de Wuhan, foi identificado um novo vírus que foi nomeado como SARS-CoV-2. Com a disseminação geográfica rápida da doença e as altas taxas de mortalidade, a Organização Mundial de Saúde (OMS) declarou uma pandemia global em 11 de março de 2020 (CUCINOTTA; VANELLI, 2020). A doença possui um alto risco de contágio e a propagação ocorre de pessoa para pessoa através de gotículas expelidas da boca ou nariz de pessoas contaminadas. Apesar de medidas preventivas adotadas como distanciamento social, uso de máscaras em locais públicos, vacinas, entre outros, novas variantes se desenvolveram. A COVID-19 prejudicou a população em todo o mundo, ocasionando mortes e crises socioeconômicas. Diversos pesquisadores buscaram compreender a nova doença, utilizando recursos matemáticos e computacionais em suas análises (GHOSH; BHATTACHARYA, 2020). Esses recursos permitem obter informações relevantes e prever a evolução da pandemia em diferentes cenários (JITHESH, 2021).

A utilização de modelos computacionais para a simulação do comportamento de sistemas dinâmicos pode ser um instrumento de pesquisa importante para resoluções de problemas do mundo real que abrange muitas áreas, tais como: sistemas econômicos (CORNELIA, 2013), industriais (JUNIOR, 2013), ambientais (CARDOSO, 2019) e populacionais (SILVA; ROSA, 2018), entre outros. O uso de tais modelos têm potencializado os estudos de sistemas epidemiológicos, de modo a buscar por soluções preventivas e de combate a doenças. Esses modelos podem servir de base na elaboração e definição de políticas públicas (FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).

Sistemas dinâmicos possuem um imenso número de interações entre os elementos que o compõem, permitindo-o descrever, prever e analisar a evolução de fenômenos

complexos ao longo do tempo. A modelagem desse tipo de sistema costuma ser um trabalho árduo e complexo, que compreende a coleta de dados, a análise e definição das características do sistema. Essa tarefa envolve a formulação de um conjunto de equações contendo diferentes variáveis e a configuração de diversos parâmetros. Além disso, dependendo da forma como é implementado, pode demandar um alto custo computacional, limitando assim o seu uso. Nesse contexto, os autômatos celulares surgem como uma forma alternativa e viável para a modelagem e simulação de sistemas dinâmicos (FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021). Os autômatos celulares possuem estruturas que possibilitam o estudo e a simulação da propagação e transmissão de doenças, permitindo a representação geográfica da região em que está sendo estudada e das relações entre os indivíduos envolvidos (AHMED; AGIZA; HASSAN, 1998) (DORAN; LAFFAN, 2005) e (SCHIMIT; MONTEIRO, 2009).

Autômato celular (AC) (WOLFRAM, 1997) é um sistema dinâmico e discreto no espaço, no tempo e no estado de suas células. A modelagem do AC envolve a definição do espaço celular e da regra de transição dos estados das células. Um espaço celular típico é um conjunto de células distribuídas em um reticulado N -dimensional. A computação de um autômato consiste na evolução temporal do seu reticulado. A cada passo de tempo, os estados das células são atualizados de acordo com a regra de transição do AC. Esse processo é baseado na interação local, de modo que o valor do estado de uma célula no próximo instante de tempo ($t+1$) é definido a partir dos estados atuais (instante t) da própria célula e de suas vizinhas. Outra característica importante do AC é sua computação distribuída. Considerando que os passos de tempo são discretos e a atualização dos estados das células é baseada nos seus valores atuais, os quais já são conhecidos e estão disponíveis, o cálculo realizado em uma célula independe da computação no restante do reticulado, podendo ser realizado de forma paralela e distribuída.

Neste trabalho, foi implementado um modelo baseado em autômato celular probabilístico que representa a disseminação da COVID-19 entre a população de uma região. A abordagem desenvolvida é baseada no modelo SIR apresentado em (JITESH, 2021), no qual cada célula do autômato celular representa um indivíduo da população e pode assumir os seguintes estados: suscetível, exposto, infectado e recuperado. Além de representar a propagação da doença, o modelo desenvolvido também permite investigar a influência dos isolamentos regional e individual na dinâmica de contágio da população. Resultados experimentais do modelo desenvolvido mostraram que, como esperado, a adoção do isolamento social retarda a propagação da doença e reduz o pico de infectados, evitando assim o colapso do sistema de saúde.

1.1 Motivação

O desenvolvimento dos modelos de simulação se tornaram uma ferramenta de suma importância para estudo e pesquisa que abrange diversos setores. Esse tipo de modelo permite analisar a dinâmica de um sistema e auxiliar na tomada de decisões em cenários reais a partir de dados gerados através da simulação. Tais modelos têm sido aplicados em estudos de sistemas epidemiológicos (FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021), (LANDGUTH, 2007), (AHMED; AGIZA; HASSAN, 1998). Esse tipo de modelo pode ser empregado para simular o espalhamento da doença em função das medidas de prevenção e controle adotadas, auxiliando, assim, na elaboração de estratégias e políticas eficazes para evitar o colapso do sistema de saúde pública.

Modelos epidemiológicos têm contribuído para o estudo da dinâmica de epidemias, provendo informações importantes acerca da estimativa de evolução de uma pandemia (JITESH, 2021). Entretanto, a construção de um modelo para prever a disseminação de uma doença pode ser uma tarefa complexa, pois a representação das interações entre os elementos modelados (variáveis) e a escolha de parâmetros que sejam capazes de reproduzir o comportamento observado nos dados coletados é um grande desafio (GHOSH; BHATTACHARYA, 2020). Nesse contexto, os autômatos celulares vêm se tornando uma opção interessante para a modelagem e simulação de estudos epidemiológicos, visto que são capazes de representar fenômenos complexos a partir de computações simples e interações locais entre seus agentes, como ocorre na proliferação de uma doença.

1.2 Objetivos

O objetivo principal deste projeto é desenvolver um modelo baseado em autômato celular probabilístico capaz de simular a dinâmica de disseminação da COVID-19, de acordo com a política de isolamento social adotada na região monitorada. Durante a pesquisa, pretende-se alcançar os seguintes objetivos específicos:

- Estudar o modelo de simulação proposto em (JITESH, 2021), a fim de entender como o autômato celular é usado para representar a disseminação da COVID-19.
- Implementar o modelo investigado de modo a reproduzir os resultados alcançados no artigo original.
- Validar o modelo implementado, analisando seu desempenho em reproduzir um comportamento similar ao apresentado no artigo original.
- Avaliar o efeito de mudanças na configuração do modelo na dinâmica de contaminação da doença.

1.3 Estrutura do Documento

O restante do documento está organizado da seguinte forma:

No capítulo 2 é apresentado a fundamentação teórica sobre autômatos celulares, que visa definir de forma clara as informações fundamentais para uma melhor compreensão do tema, incluindo os conceitos básicos de autômatos celulares, suas características, funcionamento e exemplos. No capítulo 3 é apresentado o modelo desenvolvido neste trabalho, o qual emprega um autômato celular probabilístico para representar a dinâmica de propagação da COVID-19. No capítulo 4 são apresentados os experimentos utilizados para validar o modelo desenvolvido, bem como as análises dos resultados obtidos. No capítulo 5 são apresentadas as considerações finais sobre o trabalho realizado e sugestões de trabalhos futuros, visando os aprimoramentos do modelo atual.

2 Fundamentação Teórica

As mudanças globalizadas ocorridas nas últimas décadas exerceram grandes impactos, gerando transformações nas condições e qualidade de vida da população, ocasionando mudanças no perfil das doenças e danos à saúde (CÂMARA, 2010). Neste cenário, a epidemiologia é empregada para definição de políticas públicas, a fim de alcançar medidas de prevenção e combate a doenças infecciosas. O termo epidemiologia foi utilizado pela primeira vez em 1802 na Espanha para realizar estudos de doenças locais (THOMAZ; PINHO; ABREU; RODRIGUES, 2015). A partir dos estudos sobre doenças infecciosas realizados ao longo do século XIX, ocorreu um grande avanço na identificação desse tipo de doença e no controle de epidemias, assim como na definição de condições determinantes para o agravamento das outras doenças no século XX (THOMAZ; PINHO; ABREU; RODRIGUES, 2015). Nesse contexto, modelos de simulação são uma importante ferramenta para o estudo do comportamento e evolução das doenças, bem como para a avaliação do impacto e da efetividade das políticas de controle e prevenção.

Para facilitar o entendimento desse modelo, neste capítulo são introduzidos os principais conceitos e definições relacionados aos autômatos celulares (ACs), bem como é apresentada uma visão geral sobre os trabalhos da literatura que buscam modelar a propagação da COVID-19.

2.1 Autômatos Celulares

Autômato celular (AC) vem sendo pesquisado com uma alternativa em potencial para modelar e simular sistemas complexos. Ele tem sido aplicado nos estudos de sistemas epidemiológicos com o objetivo de reproduzir a dinâmica de propagação de doenças e seus vetores (FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021) (JITESH, 2021) (COSTA; MEDEIROS; SANDRI, 2013).

Os estudos teóricos sobre os autômatos celulares foram propostos originalmente por John Von Neumann e Stanislaw Ulam no início da década de 1950 (NEUMANN, 1951). Von Neumann buscava uma forma de replicar um sistema, enquanto Ulam estudava a evolução de cristais por meio de células. Usualmente, o AC é um sistema dinâmico e discreto no espaço, no tempo e no estado de suas células. Ele é composto por uma coleção de células organizadas em um reticulado N -dimensional, cada qual assumindo um valor pertencente a um conjunto finito de estados; e por uma regra de transição que define como os estados das células são atualizados em intervalos de tempo discretos. Alguns conceitos básicos sobre esses elementos são apresentados a seguir.

2.1.1 Reticulado

Os autômatos celulares são constituídos por células distribuídas espacialmente em um reticulado com N dimensões. Apesar de não haver uma limitação na quantidade de dimensões, geralmente os reticulados são modelados com até três dimensões, como ilustrado na Figura 1. No formato unidimensional (Figura 1a), as células do AC são distribuídas linearmente. No reticulado bidimensional (Figura 1b), as células são organizadas em linhas e colunas, como em uma matriz. Já no formato tridimensional (Figura 1c), o reticulado tem a forma de um cubo, com cada célula tendo sua altura, largura e profundidade.

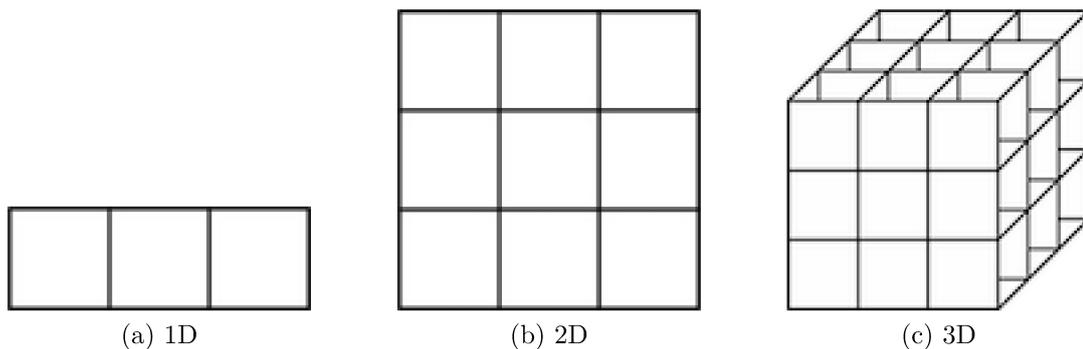


Figura 1 – Exemplos de reticulados com: (a) uma, (b) duas, e (c) três dimensões. (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).

As células do reticulado podem assumir diferentes formas geométricas, sendo mais comum a adoção do formato quadrangular. Além de determinar a região do reticulado representada pela célula, o formato também influencia na sua vizinhança, dado que o número de células vizinhas é definido pela quantidade de lados da forma geométrica utilizada. A Figura 2 ilustra alguns exemplos de formas geométricas utilizadas em autômatos celulares.

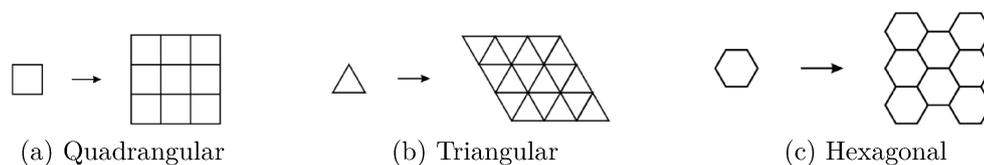


Figura 2 – Distribuição das células de acordo com a forma geométrica utilizada: (a) quadrangular; (b) triangular; e (c) hexagonal (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).

O reticulado de um AC possui tamanho finito e as células localizadas na sua fronteira não possuem células adjacentes em todos os seus lados. Para esses casos, é necessária a adoção de um estratégia especial, denominada estratégia de contorno ou de borda, para definir como a vizinhança será complementada, ou seja, como determinar os valores para as células vizinhas inexistentes. A Figura 3 apresenta algumas formas de

tratamento de bordas usadas em autômatos celulares. A estratégia mais comum é a borda periódica (Figura 3a), a qual considera que as bordas do reticulado estão ligadas (conexão circular). Dessa forma, considerando uma vizinhança de raio 1, a vizinha à esquerda da primeira célula do reticulado (com estado 1) será a última (estado 5) e vice-versa. Na borda reflexiva (Figura 3b), os estados das células das bordas são usados nas células ausentes. Nesse caso, o raio adotado determina o número de células que serão replicadas de forma reflexiva. A Figura 3c ilustra a estratégia de borda fixa, na qual é utilizado um valor fixo X pré-determinado como estado das células vizinhas ausentes em ambas as extremidades.

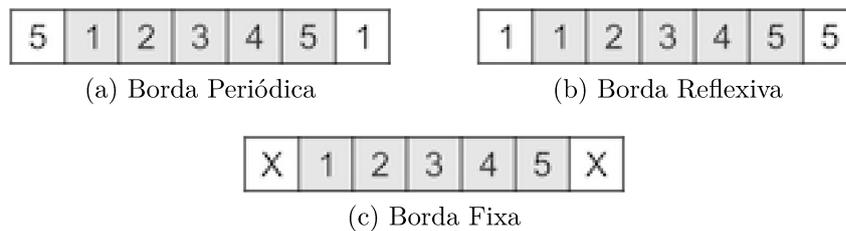


Figura 3 – Estratégias de contorno mais usadas em autômatos celulares: (a) borda periódica; (b) borda reflexiva; e (c) borda fixa (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).

2.1.2 Regras de Transição

As células que constituem o autômato celular possuem uma quantidade finita de estado que são modificadas de acordo com a regra de transição estabelecida. Uma mesma regra é empregada em todo o conjunto de células em intervalos de tempo discretos, definindo o valor da célula no próximo instante de tempo ($t+1$) a partir dos estados atuais (instante t) da própria célula e de suas vizinhas. A vizinhança de uma célula é definida por um conjunto finito de células adjacentes, cujas características são capazes de intervir no estado da célula no próximo instante de tempo. Esse conjunto finito de célula é determinado pelo tipo e o raio (R) de alcance da vizinhança.

O raio pode ser definido como a quantidade de células presentes na vizinhança em cada direção do reticulado. A Figura 4a ilustra um AC unidimensional com vizinhança de raio 1, ou seja, a vizinhança considerada na regra de transição é formada pela célula central e suas vizinhas imediatas da direita e da esquerda. A Figura 4b ilustra um AC unidimensional com vizinhança de raio 2, a qual é formada pela célula central e as duas vizinhas da esquerda e as duas vizinhas da direita, totalizando 5 células. Assim como nos reticulados unidimensionais, raios maiores também podem ser utilizados nas vizinhanças bidimensionais. Por exemplo, nas Figuras 5b e 5d são representadas, respectivamente, as vizinhanças de von Neumann e Moore com raio 2.

AC com dimensão bidimensional, normalmente é utilizado dois tipos de vizinhança: von Neumann e Moore (FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021). A vizinhança de von Neumann é constituída pela célula central e quatro adjacentes verticais e horizontais, como ilustrado na Figura 5a, totalizando 5 células. A vizinhança de Moore de raio 1 é formada por células verticais, horizontais e diagonais adjacentes à célula central, como apresentado na Figura 5c e compreende um total de 9 células.

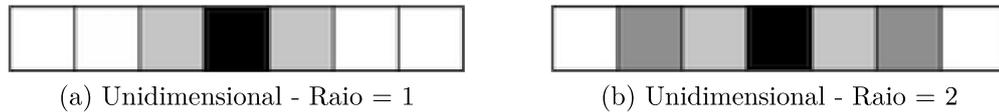


Figura 4 – Vizinhança de um AC com reticulado de uma dimensão conforme o raio R : (a) $R = 1$ e (b) $R = 2$ (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).

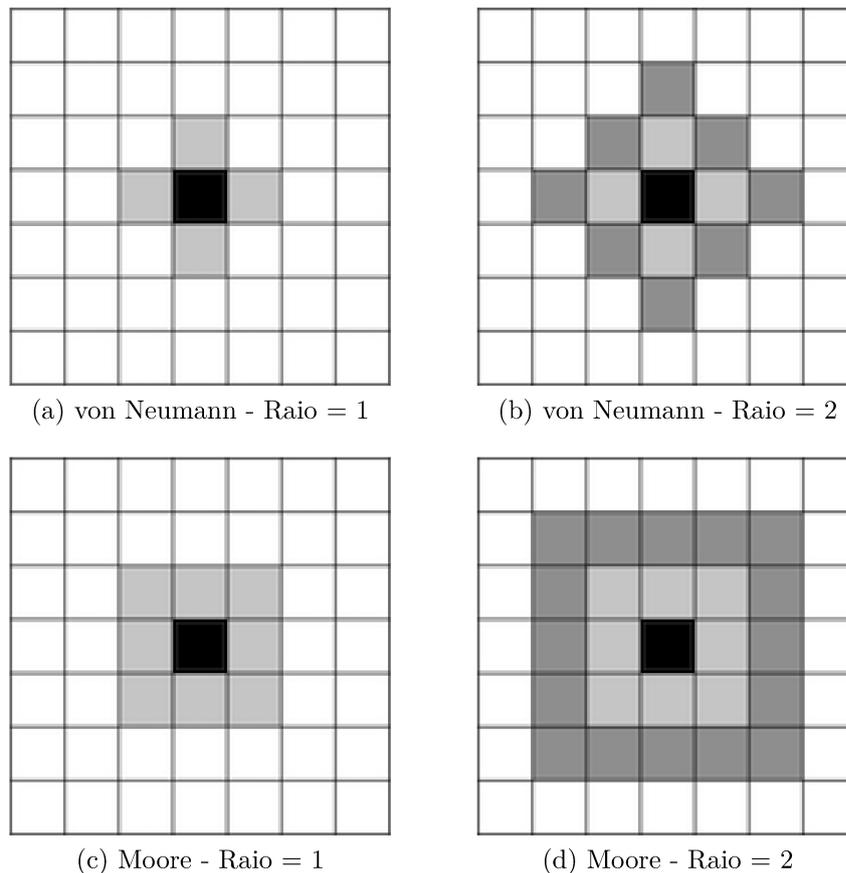


Figura 5 – Vizinhança de um AC com reticulado de dimensão bidimensional conforme o raio R (a) von Neumann com $R = 1$ (b) von Neumann com $R = 2$, (c) Moore com $R = 1$ e (d) Moore com $R = 2$ (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).

Em um autômato celular elementar (unidimensional e com estados binários), as regras de transição são geralmente descritas na forma de tabela ou LUT, a qual é empregada em todo o reticulado em intervalos de tempo discretos. A tabela é constituída por

um conjunto finito de regras que abrange o estado da célula atual e de suas vizinhas que são capazes de presumir o próximo estado no intervalo de tempo posterior. A evolução de um autômato celular elementar determinístico é exemplificada na Figura 6. O estado das células é representado por um conjunto binário $C = \{0,1\}$. No exemplo, é empregada uma regra de transição, conhecida como regra 30 em decorrência da conversão binária dos seus estados de saída. Essa regra é aplicada a todas as células do reticulado, considerando uma vizinhança de raio 1, ou seja, a célula central e suas vizinhas da direita e esquerda. Considerando que a regra de transição deve englobar todas as possíveis combinações dessas 3 células que compõem a vizinhança, temos: $2^3 = 8$ possibilidades. A Figura 6a representa a regra de transição adotada, onde o quadrado branco representa o estado 0, enquanto o quadrado preto representa o estado 1. Na Figura 6b é mostrado o reticulado inicial usado nesse exemplo. A região destacada em vermelho representa a área de uma vizinhança 0 - 0 - 1 que, ao aplicar a regra de transição, muda o estado da célula central para o valor 1. A Figura 6c representa a evolução desse reticulado inicial ($t=0$) durante sete passos de tempo do autômato celular.

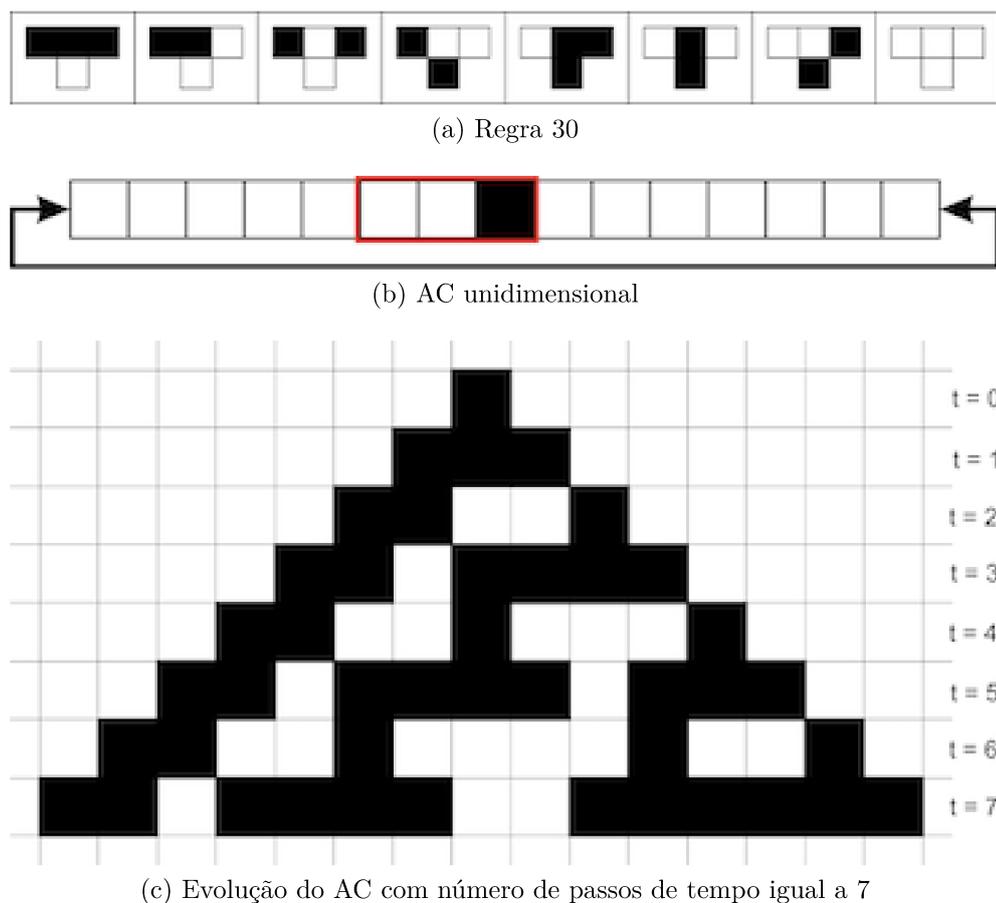


Figura 6 – Evolução de um Autômato Celular unidimensional elementar: (a) Regra de transição empregada na mudança dos estados; (b) configuração inicial do reticulado; e (c) evolução do AC. (Fonte: FRAGA; OLIVEIRA; MARTINS, 2021).

Esse exemplo é de uma regra de transição determinística, na qual se obtém o

mesmo resultado a partir de uma determinada configuração. Em outras palavras, a partir do mesmo reticulado inicial e usando o mesmo número de passos de simulação, será obtido o mesmo reticulado final. Entretanto, é comum que os fenômenos naturais sejam influenciados por fatores externos, introduzindo uma certa variabilidade no processo. Na tentativa de representar essa característica, um componente estocástico (probabilidades) pode ser incorporado nas regras de transição, resultando em autômatos celulares probabilísticos, como o que será utilizado nesta pesquisa.

Existem algumas regras de transição denominadas regras totalísticas que normalmente são empregadas em ACs bi e tridimensionais, nas quais as mudanças nos estados das células centrais são baseadas na quantidade de células na vizinhança com um determinado valor. Um exemplo desse tipo de regra é a regra de transição do AC usado no “jogo da vida” (CONWAY, 1970). As regras de transição desse AC são simples:

1. Uma célula viva com menos de dois vizinhos morre de solidão.
2. Uma célula viva com dois ou três vizinhos sobrevive.
3. Uma célula viva com mais de três vizinhos vivos morre de superpovoamento.
4. Uma célula morta com três vizinhos nasce.

A Figura 7 mostra a sequência da evolução do AC Jogo da Vida em 4 passos de tempo. As regras de transição são empregadas a cada instante de tempo (t) e o modelo possui um padrão de movimento no reticulado para a diagonal.

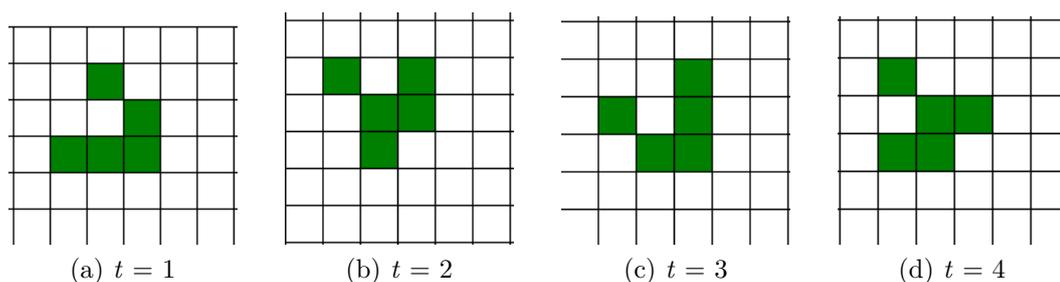


Figura 7 – Evolução do AC Jogo da Vida nos instantes de tempo (a) $t = 1$; (b) $t = 2$; (c) $t = 3$ (d) $t = 4$

2.2 Trabalhos correlatos

Para compreender o comportamento, evolução e encontrar formas de controle e prevenção de doenças infectocontagiosas, modelos de simulação vêm sendo aplicados como ferramentas de estudos. Na epidemiologia, esses modelos são comumente construídos por meio de equações matemáticas que caracterizam a interação entre os atores, tais como:

ambiente, vetores e pessoas, envolvidos na dinâmica da doença (LUIZ, 2012). Os primeiros estudos utilizando modelos matemáticos foi desenvolvido em meados do século XVII, pelo cientista John Graunt, que realizou inúmeras estimativas na cidade de Londres, tais como: a propagação de doenças infecciosas, das taxas de natalidade e mortalidade, entre outras (GRAUNT, 1662). Um século depois, o matemático e físico Daniel Bernoulli desenvolveu um modelo matemático para o estudo da varíola (PIQUEIRA; NAHAS, 2011). No século XX, o médico Ronald Ross construiu modelos matemáticos para estudar a dinâmica de propagação da malária (LOTKA, 1923). Nesse mesmo século, o médico militar McKendrick e o bioquímico Kermack propuseram um modelo matemático denominado SIR para compreensão de doenças infecciosas (KERMACK; MCKENDRICK, 1991).

2.2.1 Modelagem Dinâmica

A modelagem permite compreender a dinâmica de doenças infecciosas que auxiliam no desenvolvimento de políticas de controle dessas doenças, principalmente de uma visão espaço-temporal. A utilização da modelagem dinâmica espacial permite reproduzir as características espaço-temporais, fornecendo dados para prevenção e controle de doenças infecciosas. Para o vírus COVID-19, a mobilidade de indivíduos é um aspecto fundamental fazendo com que a propagação da doença aconteça de forma acelerada.

Pesquisas realizadas por meio de modelos de difusão espacial conseguem retratar melhor a dinâmica de propagação da COVID-19 espaço-temporal (PEIPEI; ZHENG; LIU, 2022). Através de um artigo (PEIPEI; ZHENG; LIU, 2022), foi feita uma análise abrangente de modelos dinâmicos espaço-temporal publicados desde o início da pandemia. Os autores dividiram os modelos dinâmicos espaço-temporal em duas categorias: modelos macro-dinâmicos e modelos micro-dinâmicos. O modelo macro-dinâmico engloba dois modelos denominados modelos compartimentais e modelos metapopulacionais. Os modelos compartimentais possuem diversos compartimentos que são definidos para representar indivíduos em diferentes estágios da doença e equações diferenciais são determinadas para estudar a dinâmica e propagação do vírus. O modelo SIR é um exemplo de modelo compartimental utilizado para prever o pico e duração da doença (HE; PENG; SUN, 2020). Os modelos metapopulacionais separam a população em diversos subgrupos onde os indivíduos podem se deslocar para outras regiões. O modelo compartimental pode ser utilizado para simular a propagação de uma doença dentro do modelo metapopulacional (CHINAZZI; DAVIS; AJELLI, 2020). O modelo micro-dinâmico determina os indivíduos de uma população como células que compreende um conjunto finito de estados e regras. O autômato celular é um exemplo de modelo micro-dinâmico utilizados em diversos estudos para simular a dinâmica de doenças contagiosas (MEDREK; PASTUSZAK, 2021).

Para a modelagem dinâmica da propagação de doenças infecciosas é necessário um conjunto de dados espaço-temporais que são importantes para a base de dados do modelo.

Em (PEIPEI; ZHENG; LIU, 2022) os dados espaços-temporais foram divididos em três categorias:

- **Dados estatísticos epidêmicos:** são utilizados para auxiliar no cálculo de indicadores fundamentais da pandemia. Os dados incluem número de casos confirmados, morte, recuperados, testes, vacinações, entre outros. Também auxiliam na análise estatística espaço-temporal da pandemia e estudo visual baseado no Sistema de Informação Geográfica (SIG).
- **Dados baseados em localização:** contém dados de origem para destino (OD), elementos de sinalização de rede celular e informações de rede de tráfego. Esses dados são utilizados sobretudo para examinar as modificações e a migração da pandemia.
- **Dados de intervenções não farmacêuticas (NPIs):** compreendem em especial dados de identificação de casos, busca de contatos, medidas de prevenção ambiental, distanciamento social, entre outros.

A combinação das formas dinâmicas da doença, a bioestatística e as simulações computacionais ajudam na compreensão do contágio da doença e transformam os modelos e métodos de prevenção mais consistentes com o mundo real. Os estudos da modelagem da dinâmica da COVID-19 oferecem estruturas que auxiliam na tomada de decisão em relação ao planejamento das ações de combate a pandemia, mas também trouxe alguns novos desafios, tais como: definir um conjunto de dados espaço-temporais mais aprimorados, extrair a direção espaço-temporal do indivíduo, desenvolver um modelo de fusão macro-micro a partir de grandes dados individuais, desenvolver previsão de simulação personalizadas e métodos precisos, entre outros (PEIPEI; ZHENG; LIU, 2022).

As pesquisas e a investigação dos resultados são importantes para entender a dinâmica da propagação da COVID-19 e também para apresentar estratégias de prevenção e controle da doença. Na fase inicial da propagação da COVID-19, a maior parte das pesquisas de modelagem dinâmica foram fundamentadas em dados de saúde pública e de cenários globais para realizar a simulação da propagação e transformação da pandemia em escala global e nacional do ponto de vista da modelagem macrodinâmica (PEIPEI; ZHENG; LIU, 2022). Apesar dessa simulação oferecer uma previsão da evolução da doença em um pequeno espaço de tempo, ela não consegue atingir uma simulação necessária e em baixa escala, desta forma, foi utilizado o modelo metapopulacional para alcançar uma modelagem macrodinâmica com mais clareza. O modelo metapopulacional divide uma população em diversos subgrupos onde indivíduos podem se deslocar para outras regiões,. Com a evolução da tecnologia, estudiosos fizeram estudos micro-dinâmicos a partir dessas informações. A modelagem fundamentada no indivíduo permite analisar a

modelagem dinâmica da relação social e o impacto da organização do relacionamento social na propagação de doenças infecciosas.

Os modelos simples normalmente são mais fáceis de configurar, dado que possuem menos parâmetros a serem ajustados. Por outro lado, modelos mais complexos costumam representar de forma mais precisa a dinâmica modelada (PEIPEI; ZHENG; LIU, 2022). Os modelos micro-dinâmicos também não são necessariamente superiores aos modelos macro-dinâmicos, pois os micro-dinâmicos normalmente demandam enormes recursos de computação e isso é um dos desafios para a modelagem dinâmica.

2.2.2 Modelo Macro-dinâmico Compartmental

O modelo compartmental supõe que a população é uma mistura homogênea. Nesse modelo, a população é dividida em compartimentos. Os modelos epidemiológicos tais como SIR, SEIR E SIRS são tipos de modelos compartmentais bastante utilizados para prever a propagação de uma doença infecciosa e a interação dos indivíduos em uma população. No modelo compartmental, são definidos diferentes compartimentos que caracterizam o indivíduo em diversos estados de uma doença e as equações diferenciais são determinadas para analisar a dinâmica de propagação da doença. No modelo SIR os compartimentos são divididos em: Suscetíveis (S), Infectados (I) e Recuperados (R). No modelo SEIR é considerado indivíduos Expostos (E) e no modelo SIRS existe a possibilidade de um indivíduo recuperado voltar a ficar Suscetível (S) e contrair novamente a doença.

Nos estudos realizados sobre a COVID-19 em (HE; PENG; SUN, 2020), foi construído um modelo SEIR da COVID-19 a partir de estratégias de controle como, por exemplo, o isolamento social e realizaram simulações para prever a evolução da pandemia da COVID-19 em Hubei, China. Os autores adotaram um Algoritmo de Otimização por Enxame de Partículas (PSO - Particle Swarm Optimization) para definir os parâmetros do modelo e constataram que diferentes parâmetros do modelo foram encontrados para diversos cenários. Em (CUI; LI; HAN; TENG, 2020) foi apresentado um estudo para prever a pandemia da COVID-19 em Wuhan e China Continental o qual adotou um modelo compartmental SEIRQ que classifica os indivíduos de uma população em Suscetíveis (S), Expostos (E), Infectados (I), Recuperados (R) e Quarentena (Q). Os pesquisadores constataram que a quarentena para indivíduos suscetíveis exerce um papel mais relevante no controle da doença do que a quarentena dos indivíduos expostos e infectados, confirmando a importância de antecipar a quarentena para controlar a doença.

2.2.3 Modelo Macro-dinâmico Metapopulacional

O modelo compartmental não é capaz de representar padrões complexos do comportamento específico da transmissão de doenças contagiosas, tais como a regra de mo-

vimento do indivíduo no espaço e as maneiras de resposta à doença. Para tratar essa limitação, o modelo metapopulacional foi desenvolvido no campo da bioecologia e utilizado sobretudo para simular o deslocamento de indivíduos entre populações. A população é agrupada em diversas áreas geográficas e através do deslocamento dos indivíduos entre tais áreas ocorre a propagação da doença. Dessa forma, os modelos comportamental e metapopulacional podem ser combinados para simular a propagação de doenças infecciosas de modo mais eficiente (HE; PENG; SUN, 2020).

Em uma pesquisa sobre a COVID-19 apresentada em (CHINAZZI; DAVIS; AJELLI, 2020), os autores utilizaram o projeto GLEaM (Epidemia Global e Mobilidade) para estudar subpopulações globais em locais de transporte, como, por exemplo, em aeroportos, fundamentado nos dados de migração de aeroportos encontrados globalmente. Os subgrupos se relacionam através da movimentação da população e viagens individuais. Também foi utilizado o modelo SEIR que foi estruturado dentro de cada subpopulação. Foi realizada a simulação da propagação mundial da COVID-19 envolvendo mais de 3.200 subpopulações em torno de 200 países e territórios. Realizou-se o cálculo do número de contágios de viagens não restringidas e o resultado obtido foi relacionado com o resultado do controle de viagens na pandemia. Com base nos dados de controle de viagens reais, concluiu-se que para 90% da China o controle de viagem teve um impacto no ciclo da pandemia, a menos que a propagação fosse diminuída em mais de 50% de forma simultânea dentro do subgrupo.

2.2.4 Modelo Micro-dinâmico

Modelos micro-dinâmicos são baseados em indivíduos e englobam modelos como autômatos celulares e Modelagem Baseada em Agente (ABM - Agent Based Model). Nesse tipo de modelo, os indivíduos de uma população são representados por células que possuem um conjunto finito de estados e regras. A simulação da propagação de uma doença é definida com regras tais como as ações do indivíduo em relação ao vírus, o comportamento da mobilidade individual e o contato entre os indivíduos.

Existem diversos trabalhos que também fazem o uso de modelos baseados em autômatos celulares para modelagem de sistemas epidemiológicos. (LANDGUTH, 2007) utilizou um modelo estocástico de autômato celular para simular populações suscetíveis-infectados-removidos. Inicialmente, foram configurados três reticulados iniciais, os quais foram utilizados para comparar a dinâmica espaço-temporal, sendo eles: aleatório, central e irregular. Nas simulações, a configuração aleatória possui um número maior da população sendo contaminada e se dispersando rapidamente no espaço. Já na configuração central, a doença se propaga de forma mais lenta e em menor número. A configuração regular apresenta um comportamento intermediário entre aleatório e central. (COSTA; MEDEIROS; SANDRI, 2013) aplicam autômatos celulares para representar a dinâmica

da disseminação da dengue na região sudeste do Brasil, utilizando um modelo SIR e sistemas fuzzy. No modelo, cada célula representa um grupo de indivíduos onde a evolução temporal da propagação é formada por alterações ocorridas no tamanho dos grupos de indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados.

Em (MEDREK; PASTUSZAK, 2021), um modelo SEIR baseado em autômato celular foi empregado para simular a propagação da COVID-19 na Polônia, França e Espanha, com base em dados epidemiológicos da doença, a densidade populacional e faixas etárias. Os estudos revelaram que ao diminuir o contato entre os indivíduos com antecedência, o número de infecções é menor. Um modelo SEIR dinâmico baseado em autômato celular foi proposto em (GHOSH; BHATTACHARYA, 2020) para analisar os principais fatores da dinâmica da disseminação da COVID-19. Os autores também empregaram um algoritmo genético para otimizar os parâmetros do modelo de modo a reproduzir os dados epidemiológicos da COVID-19 e dados populacionais de escala mundial.

3 Modelo de Propagação da COVID-19

Neste capítulo é apresentado o modelo proposto em (JITHESH, 2021), o qual foi utilizado como estudo de caso deste trabalho e aplica autômatos celulares para reproduzir a propagação da COVID-19. Também são descritas em detalhes algumas decisões de projeto adotadas durante o desenvolvimento da nossa versão do modelo original.

O modelo original (JITHESH, 2021) foi desenvolvido com o objetivo de prever o pico e a duração da propagação da COVID-19 e analisar o impacto do isolamento social, utilizando autômatos celulares probabilísticos em um espaço bidimensional. Inicialmente, o AC compreende células em estados suscetíveis e expostos que se modificam para diferentes estados em passos de tempos discretos. As regras de transição são definidas de acordo com a probabilidade e o contato entre indivíduos infectados e suscetíveis. Também são definidas as vizinhanças de transmissão e de transição que identificam células expostas e infectadas em intervalos de tempo.

3.1 Características do Autômato Celular para Simulação da COVID-19

No modelo original (JITHESH, 2021), uma célula corresponde a um indivíduo e diversos estágios do ciclo de vida da doença. Os estados possíveis de uma célula são representados pelo conjunto: $A = \{S, E, L, I, T, R, V\}$, sendo S suscetível; E exposto; L latente; I infeccioso; T tratamento; R recuperado; V vacinado. Na implementação do modelo em (JITHESH, 2021), cada estado é definido por um único ou um intervalo de valores numéricos denominados valores de estados. Esse valor é indicado por v que se inicia com valor 0 até um limite tr máximo que simboliza o tempo médio de recuperação do indivíduo. Cada estado pertencente ao conjunto A recebe um valor em função do tempo representado por $g(t): V \rightarrow A$ onde,

$$V = \{v, 0 \leq v \leq tr\}$$

O valor de estado suscetível, $v = 0$, pode ter seu estado alterado para infectado $v = 1$ de acordo com a regra de transição. Os demais estados são alterados sequencialmente em cada passo de tempo, $v = v + 1$ até chegar no estado recuperado. São considerados imunes à infecção os indivíduos em estado vacinado.

Tabela 1 – Estados dos autômatos celulares e seus respectivos valores numéricos (Fonte (JITHESH, 2021)).

Estados do AC	Notação	Valor de estado
Suscetível (potencial)	S	0
Exposto (infectado)	E	1
Latente	L	2,3
Infeccioso	I	4 a 8
Tratamento	T	9 a 14
Recuperado (removido)	R	tr = 15
Vacinado	V	tr + 1 = 16

No modelo computacional implementado, o estado vacinado não foi considerado. A Figura 8 apresenta o reticulado com as respectivas cores de estados das células.

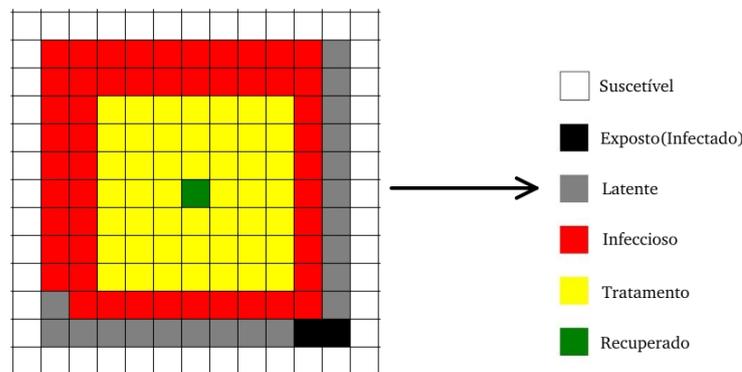


Figura 8 – Representação dos estados das células no reticulado (S) - Suscetível; (E) - Infectado; (L) - Latente; (I) - Infeccioso; (T) - Tratamento; (R) - Recuperado.

3.2 Vizinhança de Transmissão e de Transição

A vizinhança de uma célula é representada por um conjunto de células vizinhas que também atuam na evolução das células. O intervalo do raio indica o tamanho da vizinhança representado por r . O modelo (JITHESH, 2021) aplica a vizinhança de Moore que foram divididos em dois tipos de vizinhança, são elas: vizinhança de transmissão estendida e a vizinhança de transição. A vizinhança de transmissão estendida é estabelecida em torno de uma célula em estado infeccioso e vai identificar todas as células suscetíveis que estão sujeitas a contrair a doença. Essa vizinhança poderá se estender até o intervalo $r = 3$, caso as células suscetíveis não forem encontradas em intervalos menores. A vizinhança de transição é definida em torno de uma célula em estado suscetível que vai identificar suas células vizinhas e determinar se a propagação do vírus vai acontecer ou não. Uma célula em estado suscetível poderá ser infectada de acordo com os estados das células de sua vizinhança. Uma vizinhança de Moore de uma célula suscetível com $r = 1$ representa a vizinhança de transição e uma vizinhança de Moore de uma célula infecciosa

com $r = 3$ representa a vizinhança de transmissão. As chances de encontrar células suscetíveis em uma vizinhança de Moore com $r = 3$ são maiores em comparação com uma vizinhança de Moore com $r = 1$. A estratégia de borda adotada em (JITHESH, 2021) é denominada borda adiabática, conhecida também como bordas reflexivas onde os estados das células de contorno do reticulado são definidas com os estados das células adjacentes.

No modelo desenvolvido também são empregados a vizinhança de transmissão estendida e a vizinhança de transição utilizadas em (JITHESH, 2021) que são baseadas na vizinhança de Moore e a estratégia de bordas adiabáticas. A Figura 9 apresenta a vizinhança de transmissão e de transição e a Figura 10 apresentada a condição de borda adiabática.

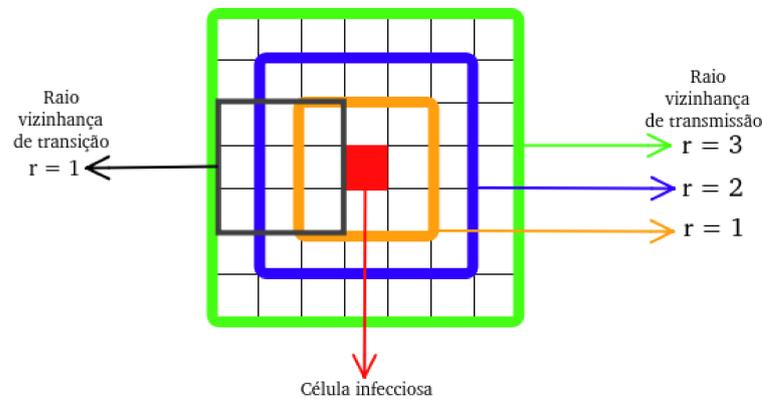


Figura 9 – Vizinhança de transmissão de raios 1, 2 e 3 e vizinhança de transição de raio 1.

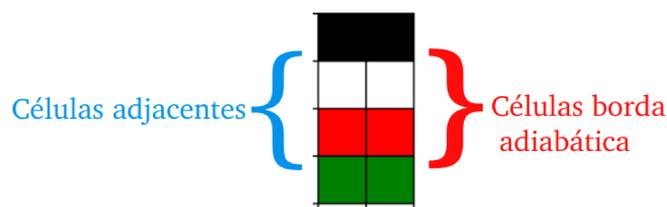


Figura 10 – Representação da condição de borda adiabática onde os estados das células de contorno do reticulado são definidas com os estados das células adjacentes.

3.3 Propagação da Doença em uma Vizinhança de Transmissão

Em (JITHESH, 2021) são integrados dois parâmetros que consideram o contato entre indivíduos para que tenha uma medida mais realista da dinâmica do vírus, o fator de isolamento social para a localidade e o fator de isolamento social para o indivíduo. Esses fatores foram estabelecidos para garantir as possibilidades de deslocamento e o contato entre os indivíduos. O fator de isolamento social de localidade é definido por λ_l , onde

$\lambda l = 0$ representa movimentos irrestritos e $\lambda l = 1$ representa restrição total. Esse valor é igual para todo o reticulado e é mantido constante por um período de tempo. O fator de isolamento para o indivíduo é representado por λp e gerado de forma aleatória em passos de tempo em um intervalo de 0 a 1, onde $\lambda p = 1$ representa que o indivíduo respeita as restrições de isolamento e $\lambda p = 0$ indica que o indivíduo não cumpre com as restrições de isolamento, então a probabilidade do indivíduo transmitir o vírus é maior. Se a condição $\lambda p < \lambda l$ for satisfeita então o indivíduo respeita as restrições e a propagação do vírus não vai acontecer. A condição $\lambda p \geq \lambda l$ indica uma probabilidade de interação entre um indivíduo suscetível e infectado, nesse caso a chance de ocorrer a contaminação é maior.

Com a condição $\lambda p \geq \lambda l$ satisfeita, a identificação de células potenciais ocorre através de dois passos que são executados de forma sequencial em cada instante de tempo. No primeiro passo, inicia-se a busca de células suscetíveis em um conjunto finito $\{C_{ij}\}$ na vizinhança de transmissão da célula infectada com o valor do raio $r = 1$ e que pode se estender até $r = 3$. O número máximo de células suscetíveis que podem ser infectadas são representadas por Rt e mantém constante igual a 2, no entanto, esse valor também pode ser flexível. No segundo passo, as células suscetíveis do conjunto $\{C_{ij}\}$ são definidas em Rt ordenadas de forma decrescente de acordo com a soma de estado das células que se encontram na vizinhança de transição de uma célula suscetível. O valor de qualquer estado que não seja suscetível é atualizado de forma sequencial em cada instante de tempo com $v = v + 1$ até $v = tr$, onde tr representa o valor de estado recuperado.

O modelo desenvolvido também inclui os parâmetros de isolamento social de localidade e fator de isolamento social do indivíduo utilizados em (JITHESH, 2021) que vão determinar a interação entre pessoas em uma determinada população. Esses parâmetros caracterizam a probabilidade de propagação do vírus e representam a estocasticidade da dinâmica do modelo. As regras de transição consistem em:

- A célula em estado infeccioso pode contaminar um número máximo (Rt) de células suscetíveis em sua vizinhança transmissível quando a condição $\lambda p \geq \lambda l$ é satisfeita.
- As células suscetíveis são identificadas em ordem decrescente de acordo com a soma de valores de estado de sua vizinhança de transição.
- Células que não se encontram em estado suscetível são atualizadas de forma sequencial em passos de tempo representados por $v = v + 1$.

A Figura 11 representa, de forma sucinta, o funcionamento do modelo desenvolvido.

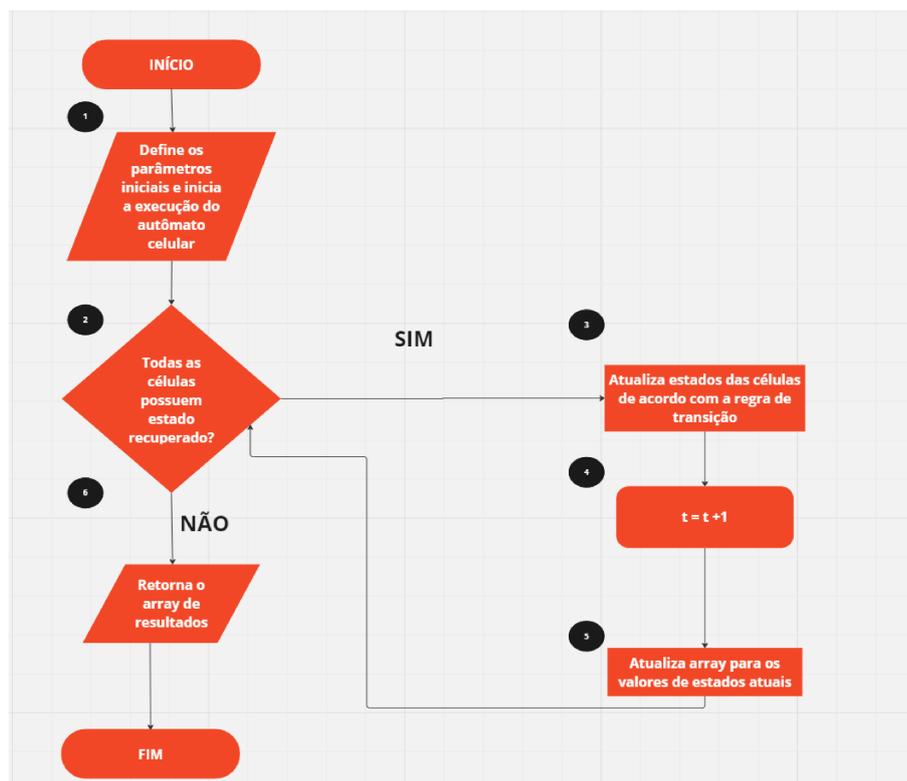


Figura 11 – Fluxograma do modelo de propagação da COVID-19.

1. Inicialmente, são definidos os parâmetros iniciais para a execução do autômato celular, tais como: tamanho do reticulado, vizinhança, transmissão máxima, número inicial de infectado, períodos latente e infeccioso, tempo de recuperação e fator de isolamento social.
2. A condição de parada do autômato celular é definida quando todas as células estão em seu estado de recuperado. Caso ainda existam células em outros estados epidemiológicos, segue a execução do autômato celular.
3. Durante o ciclo de evolução do AC (passos iterativos), uma série de funções são executadas para reproduzir as simulações com o autômato celular. Primeiramente, os estados das células são alterados de acordo com os parâmetros e regras de transição do modelo. Uma célula infectada $v = 1$ é atualizada para $v = 2$ após $t = t + 1$, entrando no estado latente. Quando o período latente $Lp = 0$, a célula é atualizada com o valor de estado $v = 4$, alterando para o estado infeccioso. Se a condição $\lambda p \geq \lambda l$ for satisfeita para o indivíduo em estado infeccioso, então ele poderá transmitir a doença. A vizinhança de transmissão da célula infectada é criada e a vizinhança de transição vai verificar a vizinhança das células suscetíveis e realizar a soma das células infectadas nessa vizinhança. Na próxima etapa, são definidas as células de Rt , as quais são selecionadas em ordem decrescente de acordo com o maior valor da soma das células infectadas na vizinhança de transição. A partir do estado Exposto $v = 1$, as transições são determinísticas, os demais valores de estados

são alterados sequencialmente a cada instante de tempo por $v = v + 1$. Assim, um indivíduo exposto permanecerá nesse estado por Lp passos do AC (estados 1 a Lp); um indivíduo ficará infeccioso por Ip passos de tempo (estados $Lp + 1$ a $Lp + 1 + Ip$); e um indivíduo atingirá o estado Recuperado após tr passos do AC no estado Tratamento.

4. Após todo o reticulado ser percorrido, modificando os estados das células de acordo com as regras transição e parâmetros, é incrementado o passo de tempo representado por $t = t + 1$.
5. As informações do autômato celular são atualizadas para os valores de estados atuais de cada célula.
6. Se todas as células têm valor de estado $v = 15$ ou se não há nenhuma célula suscetível que tem chances de ser infectada, a execução do autômato é finalizada.

4 Resultados e Experimentos

Este capítulo apresenta os experimentos realizados para validar nossa reprodução do modelo em (JITHEESH, 2021). Inicialmente, foi avaliada a capacidade do modelo desenvolvido em reproduzir o comportamento apresentado no artigo original. Em seguida, verificou-se o impacto de alguns parâmetros do modelo no comportamento da propagação da COVID-19.

4.1 Metodologia

Após o desenvolvimento do modelo, testes preliminares foram realizados a fim de ajustar os valores dos parâmetros, visando aproximar a dinâmica observada nas simulações daquela apresentada no artigo original (JITHEESH, 2021). Embora o modelo possibilite a adoção de espaços celulares retangulares, neste trabalho foram utilizados reticulados quadráticos ($m = n$). A Tabela 2 apresenta os valores adotados para cada um dos parâmetros do modelo durante as simulações realizadas nos experimentos. O parâmetro raio define o alcance da vizinhança de transmissão e é representado por r que recebe o valor padrão igual a 3. O parâmetro Rt define o número de transmissão máxima que tem um valor padrão $Rt = 2$, ou seja, o indivíduo em estado infeccioso pode transmitir a doença para no máximo 2 indivíduos suscetíveis. O período latente (Lp) determina o tempo que um vírus leva para desenvolver a capacidade de propagação da doença após a contaminação de um indivíduo, o valor padrão definido é igual a 2 que corresponde a 2 passos do AC, correspondendo aos estados 2 e 3. O período infeccioso define o tempo em que o indivíduo contaminado pode propagar a doença e tem como valor padrão $Ip = 5$ que corresponde a 5 passos do AC, correspondendo aos estados 4 a 8. O parâmetro tr define o tempo de recuperação do indivíduo doente e recebe o valor padrão $tr = 14$ que corresponde a 6 passos do AC, correspondendo aos estados 9 a 14. Também são definidos dois parâmetros que levam em consideração a possibilidade de movimentação e contato de pessoas e representam a probabilidade da propagação da doença, são eles: o fator de isolamento social de localidade e o fator de isolamento social do indivíduo. O fator de isolamento social de localidade λl representa a intensidade do isolamento social. Quando $\lambda l = 0$, indica que não há nenhuma restrição quanto a circulação de pessoas. Quando $\lambda l > 0$, indica que há uma restrição na circulação de pessoas. O fator de isolamento social do indivíduo é representado por λp e indica se o indivíduo cumpre ou não com as restrições impostas. O valor de λp é gerado aleatoriamente em cada instante de tempo. Se $\lambda p = 0$ indica que o indivíduo está cumprindo as restrições impostas. Para $\lambda p > 0$ então o indivíduo não está cumprindo com o distanciamento social aumentando a possibilidade de propagar a

doença.

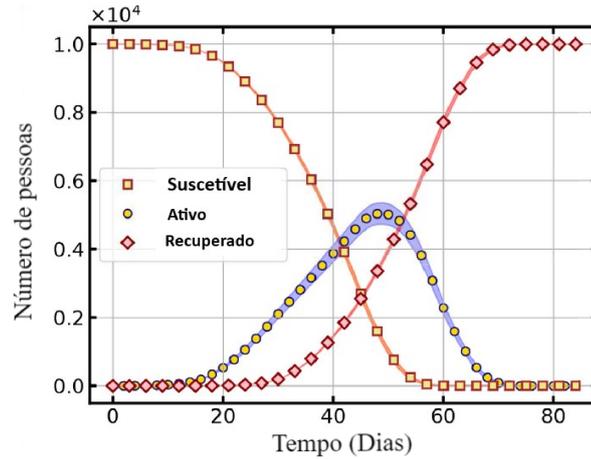
Para dar início às simulações, uma célula central infectada (I) é introduzida no reticulado inicial. O modelo finaliza sua execução quando todas as células que foram infectadas passam para o estado recuperado ou quando não existem mais células suscetíveis. Para os experimentos, o AC foi executado 30 vezes e foi realizado o cálculo de valor médio das repetições para a quantidade de indivíduos suscetíveis, doentes e recuperados a fim de comparar o comportamento do modelo. Nessa comparação, os indivíduos doentes englobam aqueles que estão nos estados infectado, latente, infeccioso e em tratamento.

Tabela 2 – Parâmetros utilizados nos experimentos do modelo desenvolvido.

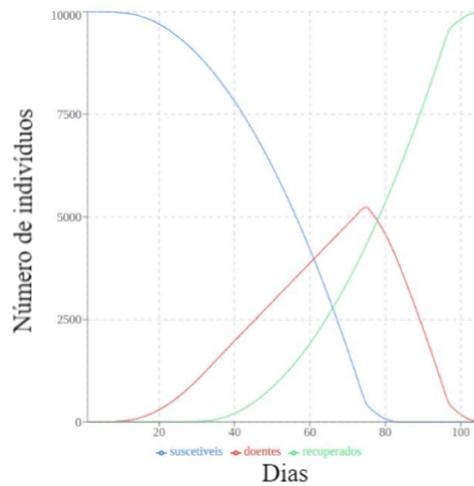
Parâmetro	Representação	Valor
Alcance de vizinhança	r	1, 3
Transmissão máxima	Rt	2
Dimensão da rede ($m=n$)	m	100, 150, 200
Número inicial infectado	I	1
Período latente	Lp	2
Período infeccioso	Ip	5
Tempo de recuperação	tr	14
Fator de isolamento social de localidade	l	0
Fator de isolamento social do indivíduo	p	(0,1)

4.2 Validação da Dinâmica do Modelo

Neste experimento, todas as simulações foram realizadas considerando um reticulado inicial de tamanho $m = 100$, com uma célula central definida como infectada e as demais células como suscetíveis. O modelo foi executado 30 vezes sobre esse reticulado e a evolução temporal do valor médio dos indivíduos suscetíveis, doentes e recuperados é apresentada na Figura 12. Os indivíduos doentes são representados pelos estados infectado (E), latente (L), infeccioso (I) e tratamento (T). Conforme esperado e observado na Figura 12, o número de indivíduos suscetíveis decresce conforme o número de casos de indivíduos doentes aumentam. O pico de indivíduos doentes é de 52,39% no 75º dia e toda população se recupera em 106 dias. A Figura 12a representa a evolução temporal da COVID-19 do modelo original enquanto a Figura 12b representa a evolução do modelo desenvolvido nesta pesquisa. Como pode ser observado, a evolução temporal apresentada pelos modelos é semelhante, tanto em relação ao pico de contágio, quanto ao tempo de recuperação total da população.



(a) Modelo original



(b) Modelo replicado

Figura 12 – Trajetória de infectados e recuperados.

4.3 Análise da Influência do Raio da Vizinhança de Transmissão

Esta seção mostra os experimentos com o parâmetro raio da vizinhança de transmissão com o objetivo de analisar o efeito da disseminação da doença para diferentes intervalos do raio e o tamanho do reticulado fixo com $m = 100$. Como mostrado na Figura 13, quando o intervalo é $r = 1$, o pico de indivíduos doentes é de 19,78% no 199º dia e todos os indivíduos infectados se recuperam em 249 dias. Para $r = 2$, o pico de indivíduos doentes é de 37,86% no 103º dia e todos se recuperam em 141 dias. Quando $r = 3$ o pico de indivíduos doentes é de 51,85% no 74º dia e todos se recuperam em 105 dias. O raio representa o alcance de transmissão da doença, de modo que o seu incremento ocasiona o aumento na taxa de transmissão, uma rápida propagação do vírus e o tempo de recuperação é menor. Portanto, como pode-se observar, ao mudar o raio da vizinhança de transmissibilidade de 1 (padrão) para 2 e para 3 a taxa de pico de indivíduos doentes

creceu significativamente e o tempo de recuperação reduziu.

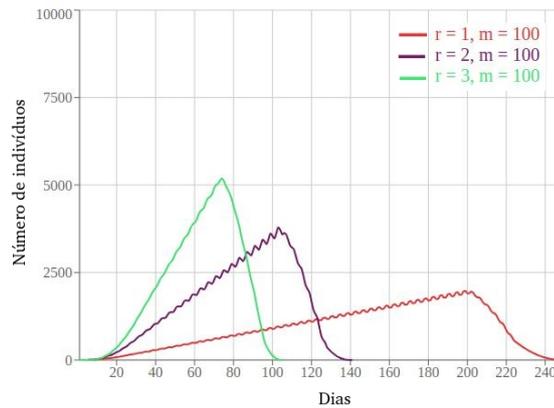


Figura 13 – Evolução temporal de infecções ativas com intervalos $r = 1$ e $r = 3$.

4.4 Análise do Impacto do Tamanho do Reticulado

Essa seção apresenta o experimento com diferentes tamanhos do reticulado com o objetivo de analisar o impacto no pico e duração da doença. Para isso, foram utilizados os tamanhos $m = 100$, $m = 150$ e $m = 200$. Como apresentado na Figura 14, quando a dimensão é $m = 100$ o pico de indivíduos doentes alcança uma taxa de 51,85% no 74º dia e toda população se recupera em 105 dias. Quando $m = 150$, o pico de indivíduos doentes é de 37,03% no 107º dia e a população se recupera em 143 dias. Para a dimensão $m = 200$, o pico de indivíduos doentes é de 28,53% no 139º dia e leva 180 dias para toda população recuperar.

A dimensão do reticulado representa o tamanho da população de modo que o seu aumento influencia no pico de indivíduos doentes e duração da pandemia. Portanto, como pode-se observar, ao mudar o tamanho do reticulado $m = 100$ (padrão) para $m = 150$, o número de doentes no pico da doença diminuiu em 37,86% e um aumento de 36,19% na quantidade de dias necessários para atingir esse pico. Ao mudar o tamanho do reticulado para $m = 200$, o número de doentes no pico da propagação diminuiu para 54,57% e o aumento do tempo até o pico foi de 71,43% comparado com o tamanho do reticulado padrão. O número de indivíduos doentes aumenta conforme a doença se espalha e após atingir o seu pico diminui rapidamente. Nota-se que quando a população aumenta, a taxa de propagação da doença acontece de forma mais lenta levando mais dias para toda população ser infectada e recuperada.

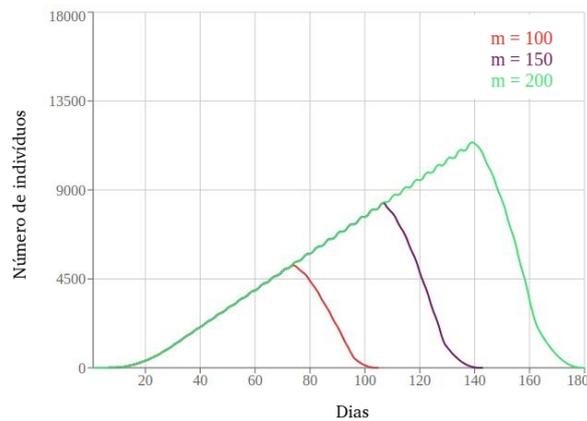


Figura 14 – Evolução temporal de infecções ativas com dimensões do reticulado $m = 100$, $m = 150$ e $m = 200$.

4.5 Análise da Influência do Isolamento Social

Esse experimento visa analisar o impacto do isolamento social na propagação da doença. Nas simulações, o valor do fator de isolamento social de localidade (λ_l) é iniciado em 0 e a partir do 15º dia tem seu valor alterado para 0.95. O valor do isolamento social do indivíduo (λ_p) é gerado aleatoriamente em cada passo de tempo. A Figura 15 apresenta a evolução temporal de indivíduos doentes com o $\lambda_l = 0$ e $\lambda_l = 0.95$. Para $\lambda_l = 0$ o pico de indivíduos doentes é de 52,39% no 75º dia e toda população se recupera em 106 dias. Quando $\lambda_l = 0.95$, a taxa de propagação da doença é mais lenta e o pico de indivíduos doentes é de 1,13% no 24º dia e todos os indivíduos se recuperam em 49 dias. Observa-se que para esse cenário o resultado mostra uma queda expressiva na propagação da doença com uma redução no pico de doentes de 97,84% quando é iniciado o isolamento social a partir do 15º dia.

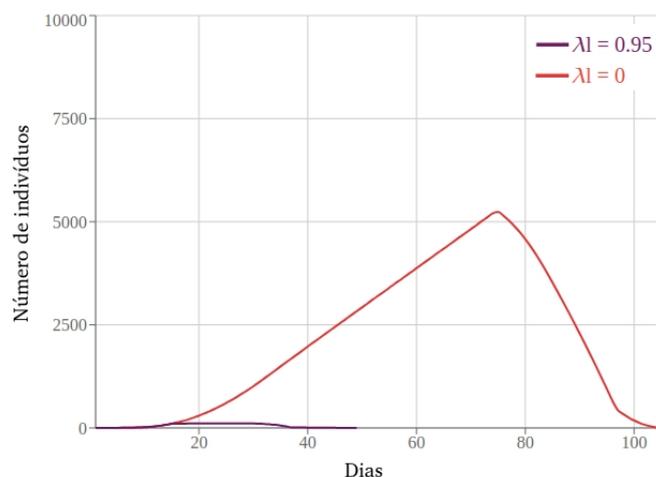


Figura 15 – Evolução temporal de indivíduos doentes com $\lambda_l = 0$ e $\lambda_l = 95$.

4.6 Evolução do Autômato Celular

Nessa seção é ilustrada a evolução da propagação da doença ao longo do tempo de simulação. A Figura 16 apresenta a evolução temporal com o fator de isolamento social de localidade $\lambda l = 0$, enquanto a Figura 17 apresenta a evolução temporal com o aumento do fator de isolamento social de localidade para $\lambda l = 0.85$ no 15º dia. A Figura 16 mostra que a falta de isolamento elimina o fator aleatório do modelo, tornando o espalhamento determinístico e apresentando um formato retangular. A Figura 17, mostra que o fator de isolamento social mantém a característica estocástica do modelo, resultando em uma propagação com formato mais irregular. Nota-se que o isolamento social diminui a probabilidade de um indivíduo ser contaminado, pois apenas alguns indivíduos são infectados.

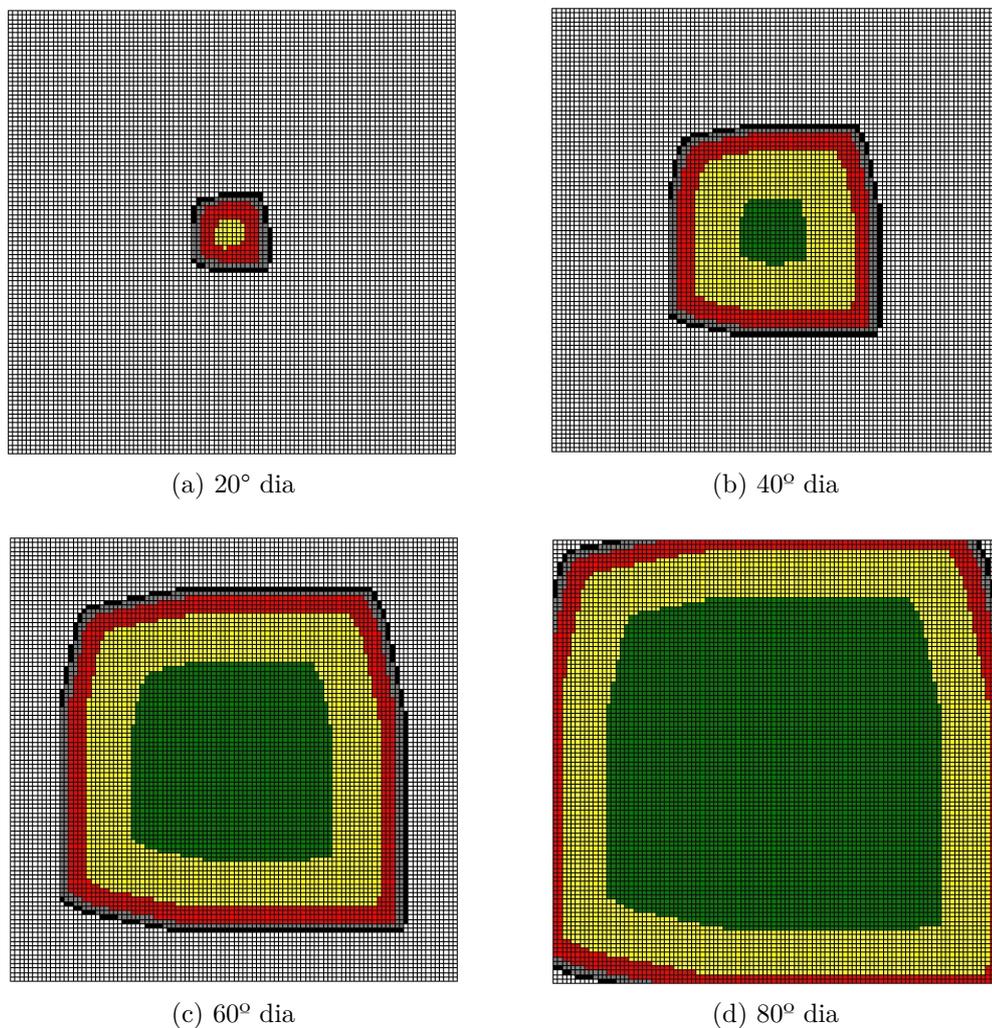


Figura 16 – Evolução temporal do autômato celular em função do fator de isolamento social de localidade $\lambda l = 0$ representados nos dias: (a) 20º dia; (b) 40º dia; (c) 60º dia; (d) 80º dia.

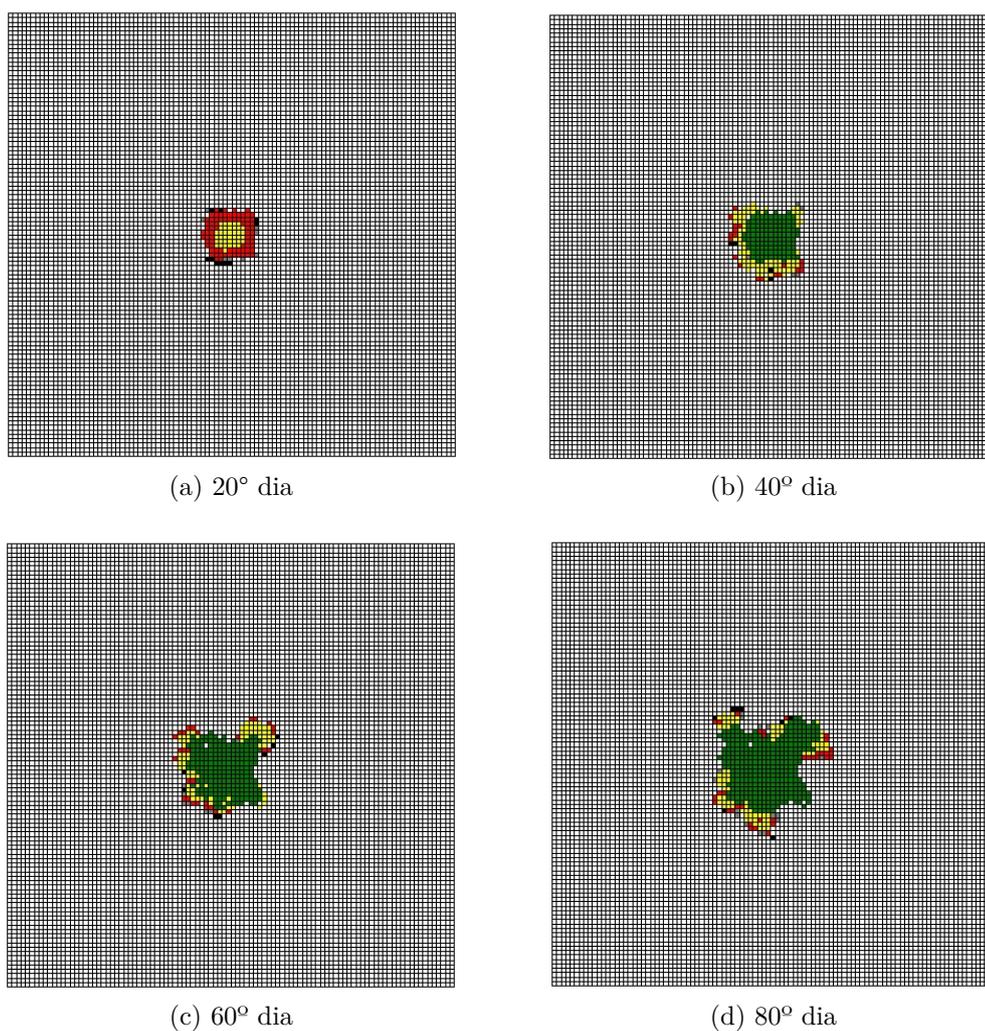


Figura 17 – Evolução temporal do autômato celular em função do fator de isolamento social de localidade $\lambda l = 0,85$ representados nos dias: (a) 20° dia; (b) 40° dia; (c) 60° dia; (d) 80° dia.

5 Conclusão

Neste trabalho, foi desenvolvido um modelo baseado em (JITHESH, 2021) para simular a propagação da COVID-19, utilizando autômato celular com o objetivo de representar a dinâmica da doença e considerando o impacto do isolamento social na disseminação do vírus.

Nas simulações com o isolamento social, os resultados obtidos mostram que quando há isolamento efetivo a propagação do vírus ocorre de maneira mais lenta, mostrando que o pico e duração da pandemia é menor e apenas alguns indivíduos são contaminados. Por outro lado, quando não há isolamento social, como esperado, a doença se espalha rapidamente. Com a variação do raio da vizinhança do AC, que representa o alcance de transmissão da doença, os resultados mostram que houve um aumento significativo na taxa de transmissão do vírus com o aumento do raio ($r = 2$ e $r = 3$). Nas simulações com variação no tamanho da população, observou-se que a medida que a população aumenta, a propagação da doença ocorre de maneira mais lenta, demandando um tempo maior de simulação para a recuperação de toda a população. De maneira geral, verificou-se que o modelo implementado conseguiu reproduzir a dinâmica da doença de modo similar ao modelo usado como referência, de acordo com os dados apresentados em (JITHESH, 2021).

Uma evolução natural deste trabalho é a investigação de outros fatores que interferem na dinâmica de propagação da doença, tais como: o efeito do programa de vacinação na disseminação da doença e a possibilidade dos indivíduos recuperados contraírem novamente a doença. Outra sugestão para trabalhos futuros é utilizar heurística de busca, como algoritmos genéticos, para ajustar os valores dos parâmetros do modelo de modo a reproduzir o comportamento observado em uma base de dados reais da COVID-19.

Referências

- AHMED, E.; AGIZA, H.; HASSAN, S. **On Modeling Hepatitis B Transmission Using Cellular Automata**. [S.l.], 1998. Citado 2 vezes nas páginas 9 e 10.
- CARDOSO, T. E. **Modelagem de sistema dinâmico para apoio à decisão no planejamento de resíduos sólidos urbanos recicláveis**. [S.l.], 2019. Citado na página 8.
- CHINAZZI, M.; DAVIS, J.; AJELLI, C. **The effect of travel restrictions on the spread of the 2019 novel coronavirus (COVID-19) outbreak**. [S.l.], 2020. Citado 2 vezes nas páginas 18 e 21.
- CONWAY, J. **The game of life**. *Scientific American*. [S.l.], 1970. Citado na página 17.
- CORNELIA, M. A. **A Model for a complex economic system**. [S.l.], 2013. Citado na página 8.
- COSTA, W.; MEDEIROS, L.; SANDRI, S. **A Fuzzy Cellular Automata for SIR Compartmental Models**. [S.l.], 2013. Citado 2 vezes nas páginas 12 e 21.
- CUCINOTTA, D.; VANELLI, M. **Who Declares COVID-19 a Pandemic**. [S.l.], 2020. Citado na página 8.
- CUI, Q.; LI, Y.; HAN, J.; TENG, Z. **Dynamic variations of the COVID-19 disease at different quarantine strategies in Wuhan and mainland China**. [S.l.], 2020. Citado na página 20.
- CÂMARA, A. M. C. S. **Percepção do processo saúde-doença: significados e valores da educação em saúde**. [S.l.], 2010. Citado na página 12.
- DORAN, R. J.; LAFFAN, S. W. **Simulating the spatial dynamics of foot and mouth disease outbreaks in feral pigs and livestock in Queensland, Australia, using a susceptible-infected-recovered cellular automata model**. [S.l.], 2005. Citado na página 9.
- FRAGA, L. M.; OLIVEIRA, G. M. B. D.; MARTINS, L. G. A. **Multistage Evolutionary Strategies for Adjusting a Cellular Automata-based Epidemiological Model**. [S.l.], 2021. Citado 5 vezes nas páginas 8, 9, 10, 12 e 15.
- GHOSH, S.; BHATTACHARYA, S. A. **A data-driven understanding of COVID-19 dynamics using sequential genetic algorithm based probabilistic cellular automata**. [S.l.], 2020. Citado 3 vezes nas páginas 8, 10 e 22.
- GOMES, E. C. D. S. **Conceitos e ferramentas da epidemiologia**. [S.l.], 2015. Citado na página 8.
- GRAUNT, J. **Natural and Political Observations**. [S.l.], 1662. Citado na página 18.

- HE, S.; PENG, Y.; SUN, K. **SEIR modeling of the COVID-19 and its dynamics.** [S.l.], 2020. Citado 3 vezes nas páginas 18, 20 e 21.
- JITHESH, P. K. **A model based on cellular automata for investigating the impact of lockdown, migration and vaccination on COVID-19 dynamics.** [S.l.], 2021. Citado 11 vezes nas páginas 5, 8, 9, 10, 12, 23, 24, 25, 26, 29 e 36.
- JUNIOR, I. F. D. L. **Desenvolvimento de modelo de simulação para sistemas dinâmicos de produção de leite.** [S.l.], 2013. Citado na página 8.
- KERMACK, W.; MCKENDRICK, A. **Contributions to the mathematical theory of epidemics.** [S.l.], 1991. Citado na página 18.
- LANDGUTH, E. L. **A Cellular Automata SIR Model for Landscape Epidemiology.** [S.l.], 2007. Citado 2 vezes nas páginas 10 e 21.
- LOTKA, A. J. **Contribution to the Analysis of Malaria Epidemiology.** [S.l.], 1923. Citado na página 18.
- LUIZ, M. H. R. **Modelos Matemáticos em Epidemiologia.** [S.l.], 2012. Citado na página 18.
- MEDREK, M.; PASTUSZAK, Z. **Numerical simulation of the novel coronavirus spreading.** [S.l.], 2021. Citado 2 vezes nas páginas 18 e 22.
- NEUMANN, J. V. **The General and Logical Theory of Automata.** [S.l.], 1951. Citado na página 12.
- PEIPEI, W.; ZHENG, X.; LIU, H. **Simulation and forecasting models of COVID-19 taking into account spatio-temporal dynamic characteristics: A review.** [S.l.], 2022. Citado 3 vezes nas páginas 18, 19 e 20.
- PIQUEIRA, J. R. C.; NAHAS, T. R. **O sonho de Bernouilli.** [S.l.], 2011. Citado na página 18.
- SCHIMIT, P.; MONTEIRO, L. **On the basic reproduction number and the topological properties of the contact network: An epidemiological study in mainly locally connected cellular automata.** [S.l.], 2009. Citado na página 9.
- SILVA, M. D. O.; ROSA, J. **Modelos de sistemas dinâmicos aplicados à ecologia: malthus, verhulst e lotka-volterra.** [S.l.], 2018. Citado na página 8.
- THOMAZ, E. B. A. F.; PINHO, J. R. O.; ABREU, T. Q.; RODRIGUES, V. P. **Conceitos e Ferramentas da Epidemiologia.** [S.l.], 2015. Citado na página 12.
- WALDMAN, E. A.; SATO, A. P. S. **Trajetória das doenças infecciosas no Brasil nos últimos 50 anos: um contínuo desafio.** [S.l.], 2016. Citado na página 8.
- WOLFRAM, S. **A New Kind of Science.** [S.l.], 1997. Citado na página 9.